

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

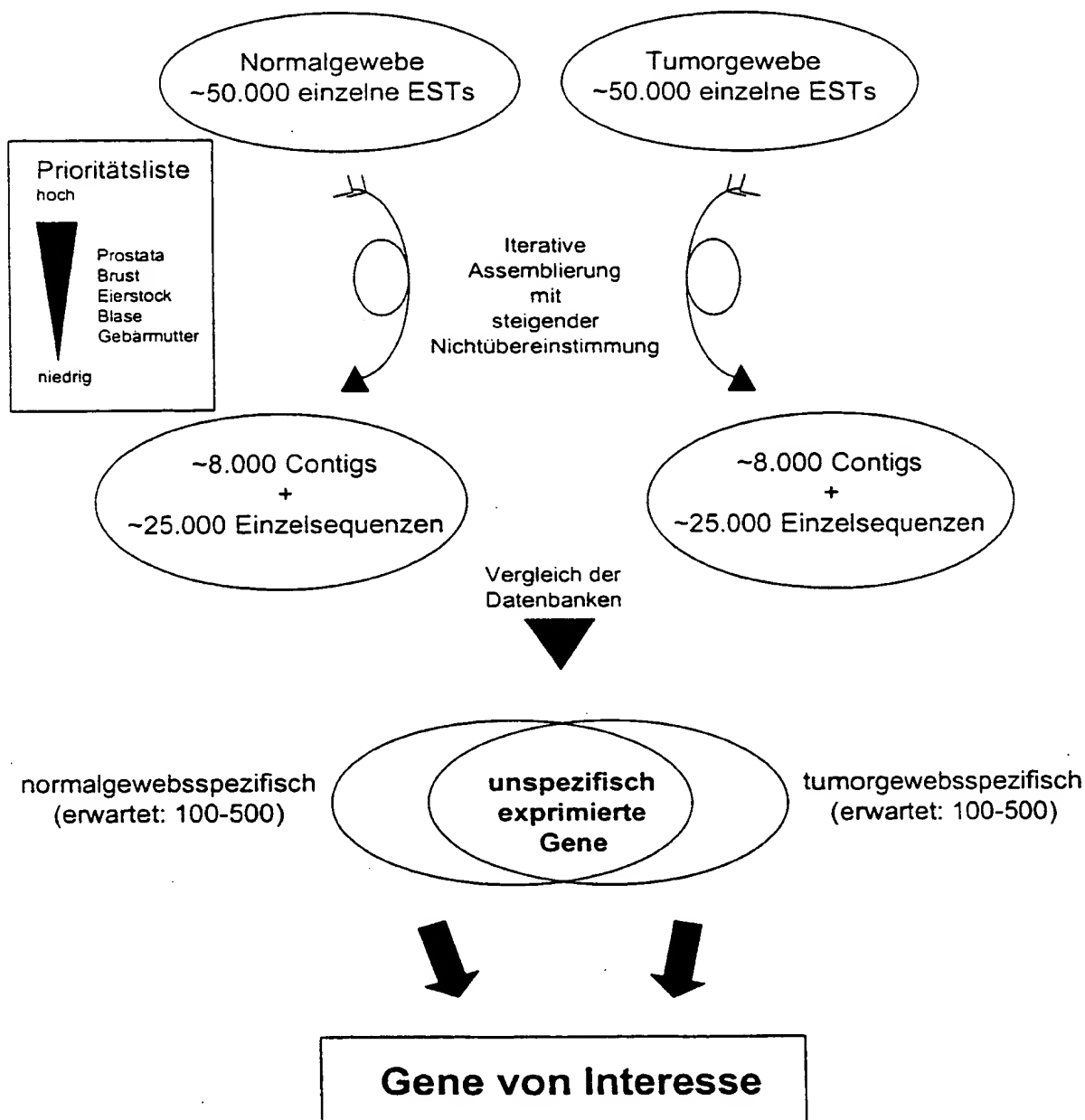


Fig. 1

APPROVED	O. G. FIG.	
BY	CLASS	SUBCLASS
DRAFTSMAN	0000	432 5 5

09/646778

2/10

Principle of EST Assembly

~50,000 ESTs per tissue

Assembly at 0% mismatch
with GAP4 (Staden)

Contigs

Individual sequences

Contigs increasing in
number and length

Iterative assembly with
increasing mismatch
(1%, 2%, 4%)

5000-6000 contigs

~25,000 other individual
sequences

~30,000 consensus-
sequences per tissue

Figure 2a

REPLACEMENT PAGE (RULE 26)

2/10

Prinzip der EST-Assemblierung

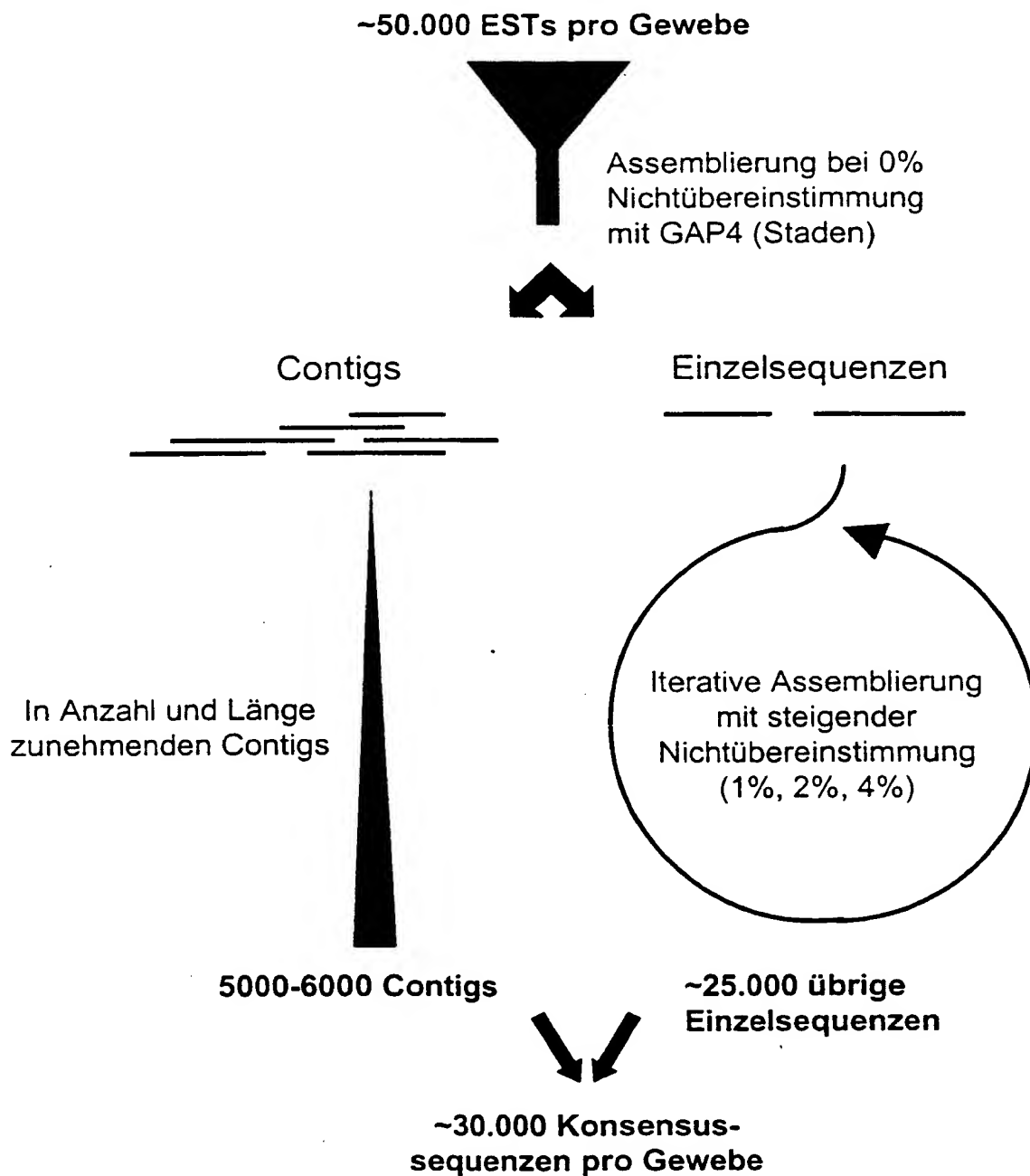


Fig. 2a

3/10

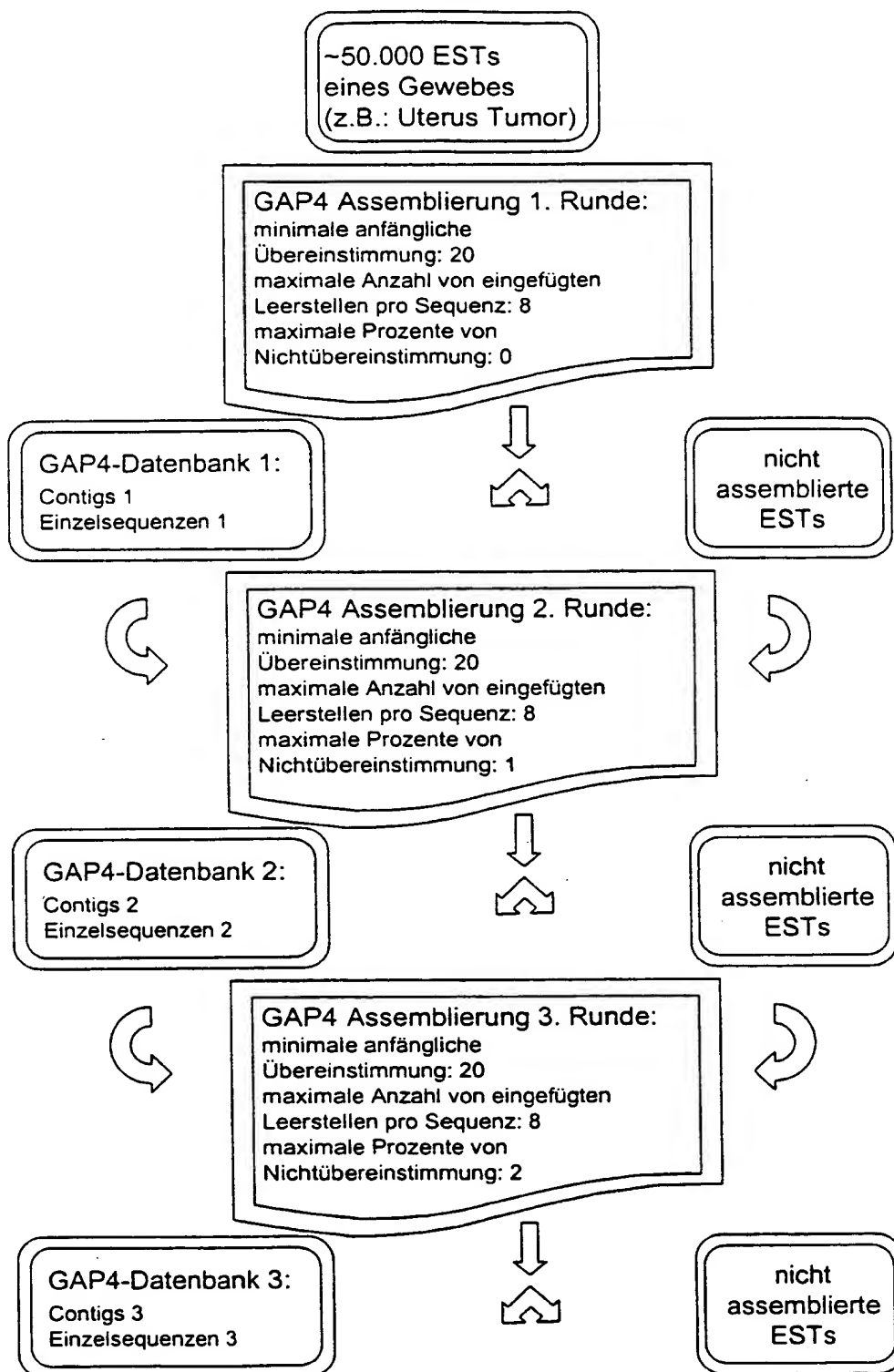


Fig. 2b1

4/10

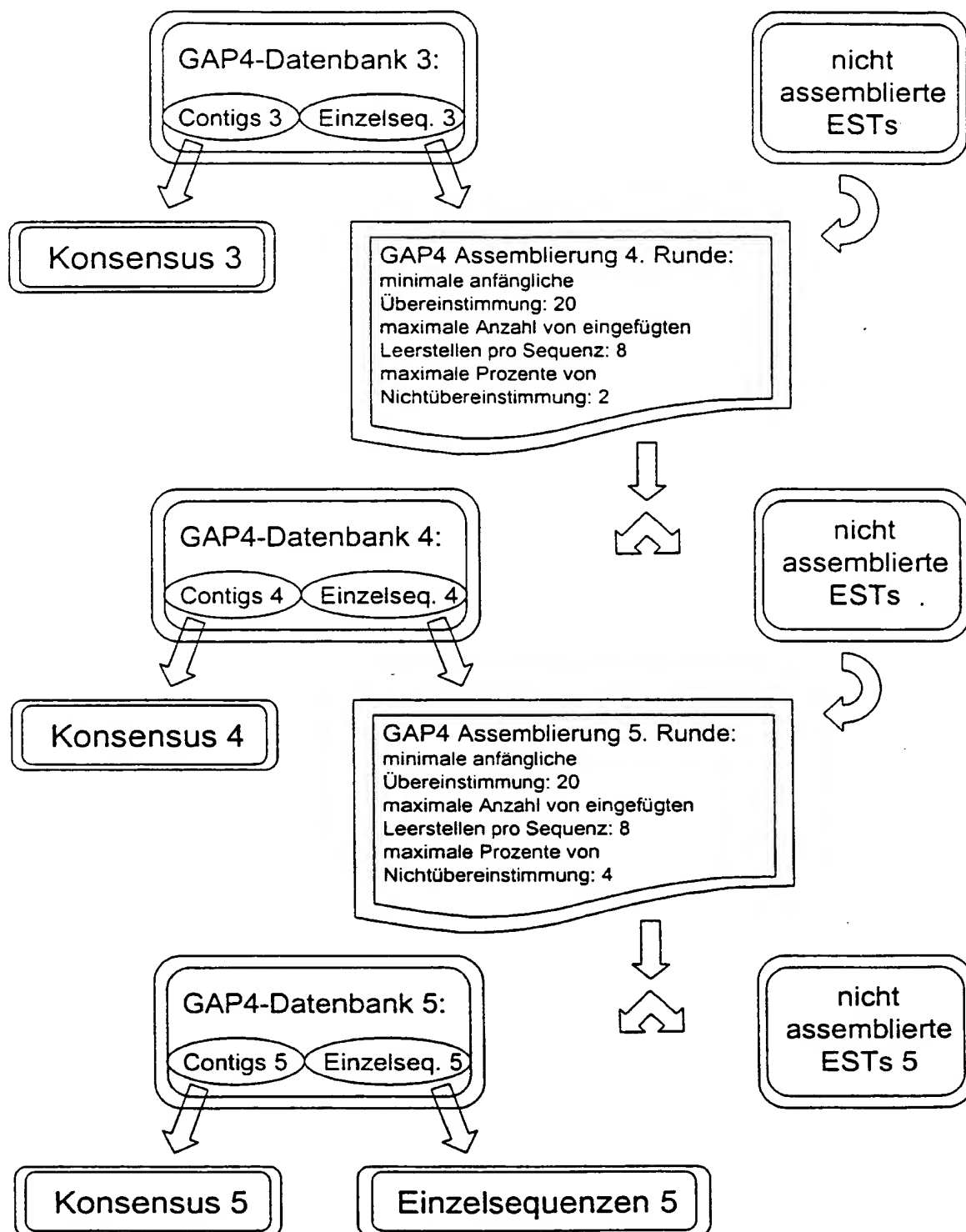


Fig. 2b2

5/10

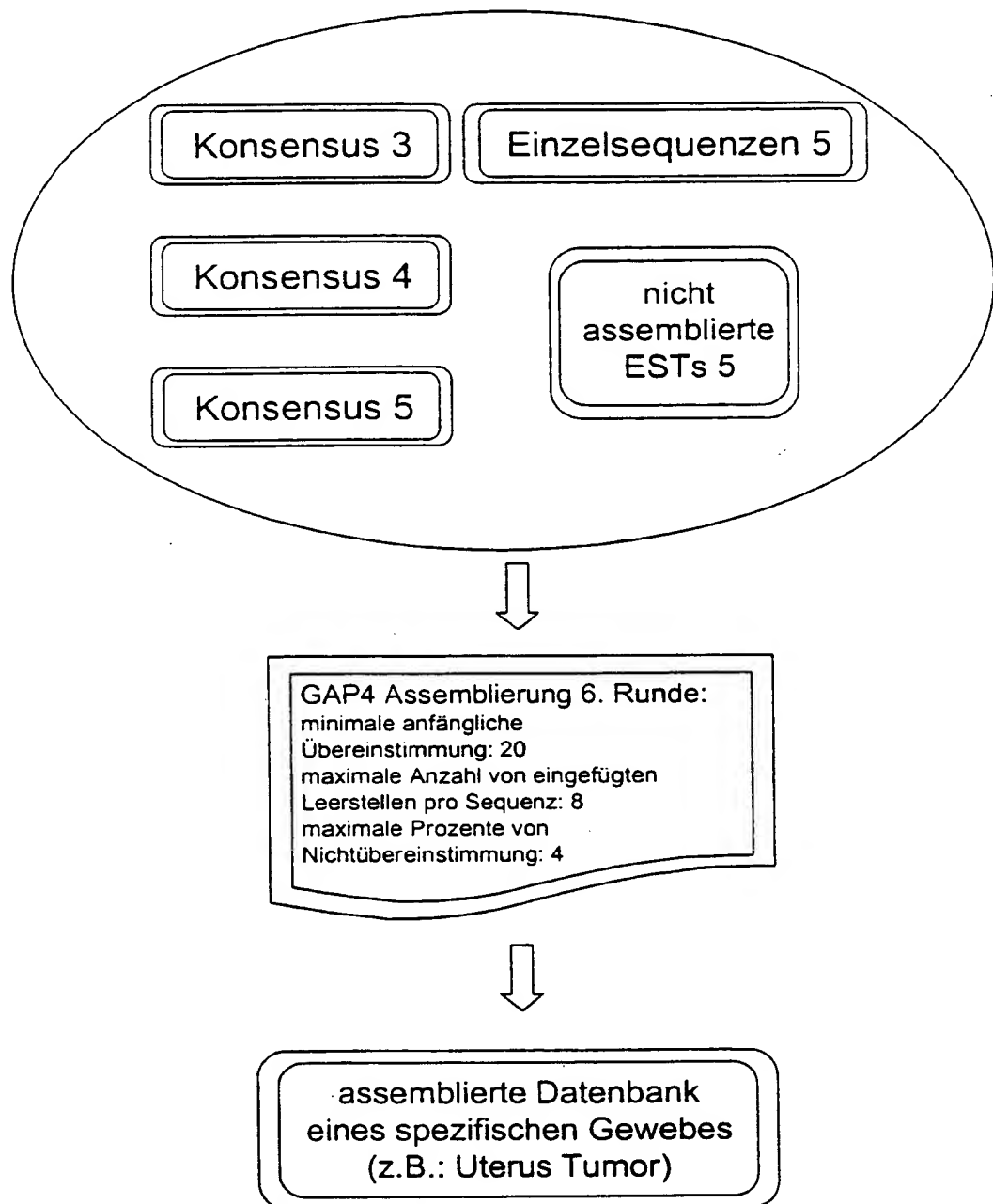


Fig. 2b3

6/10

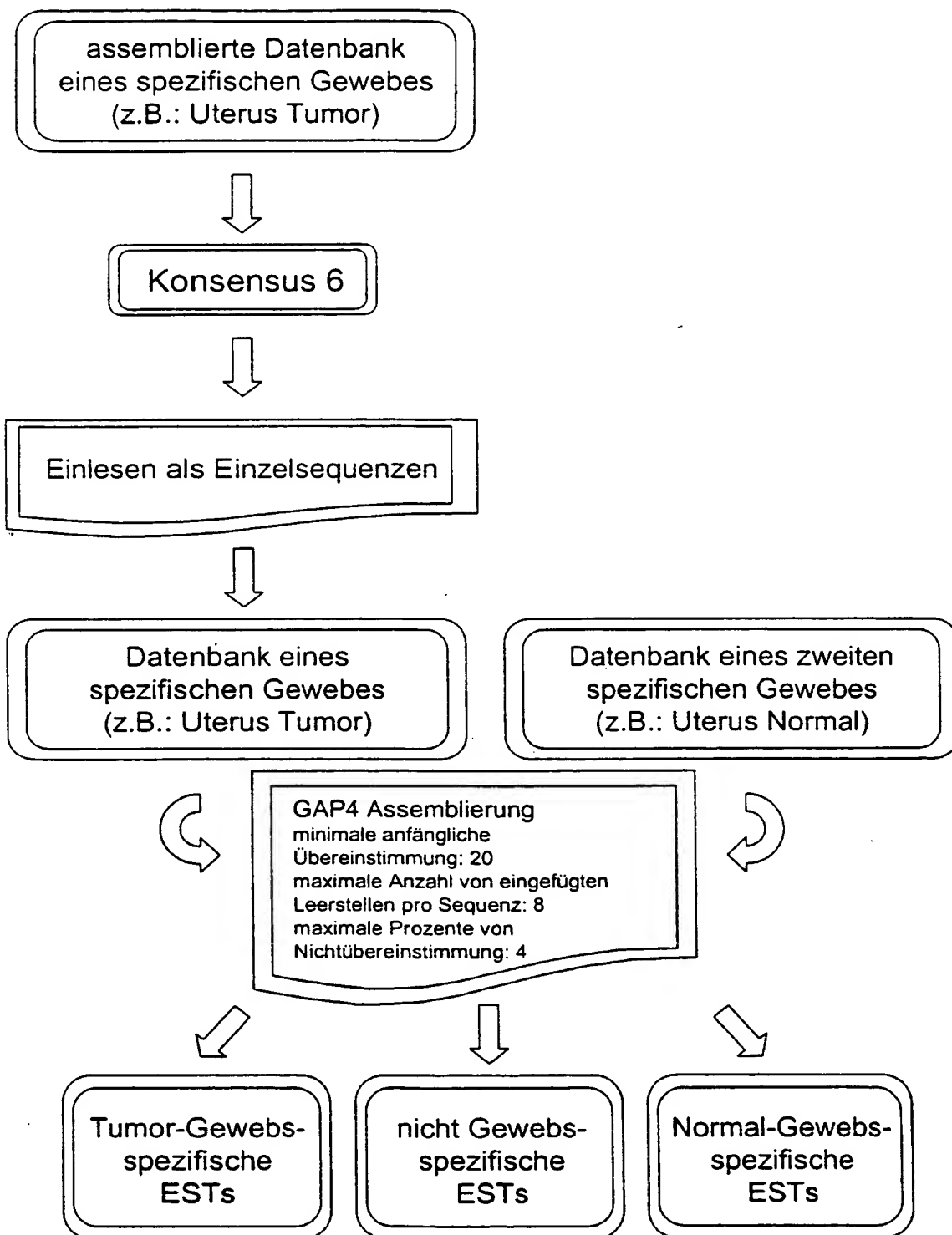


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

~30.000 Konsensussequenzen
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen
Tumorgewebe

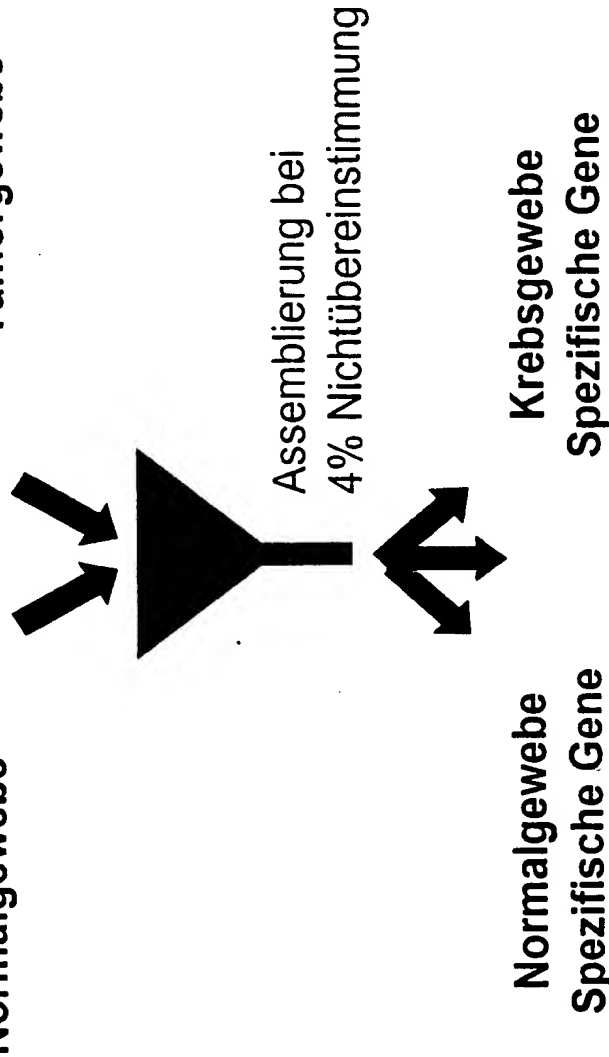


Fig. 3

8/10



Gene von Interesse

Bestimmung der
gewebsspezifischen
Expression über
elektronischen Northern
(INCYTE LifeSeq und
öffentliche EST
Datenbanken)

Kandidatengene für
Tumorsuppressoren oder
Tumoraktivatoren

Fig. 4a

9/10

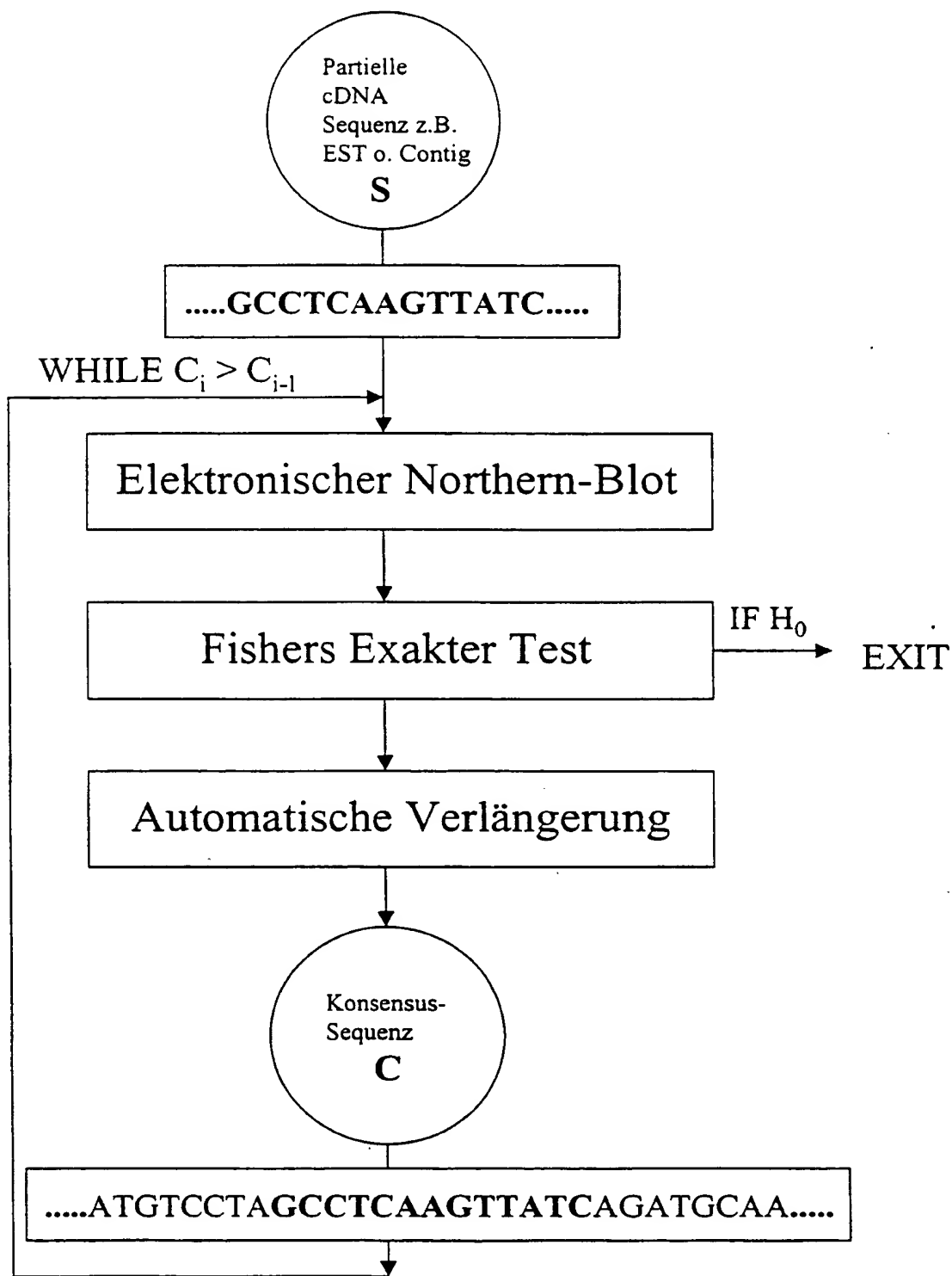


Fig. 4b

10/10

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5